

Ćwiczenie 5/6

Informacja genetyczna i geny u różnych grup organizmów. Porównywanie sekwencji nukleotydowych w bazie NCBI z wykorzystaniem BLAST.

Prof. dr hab. Roman Zieliński

1. Informacja genetyczna u różnych grup organizmów

1.1. Pytania i zagadnienia

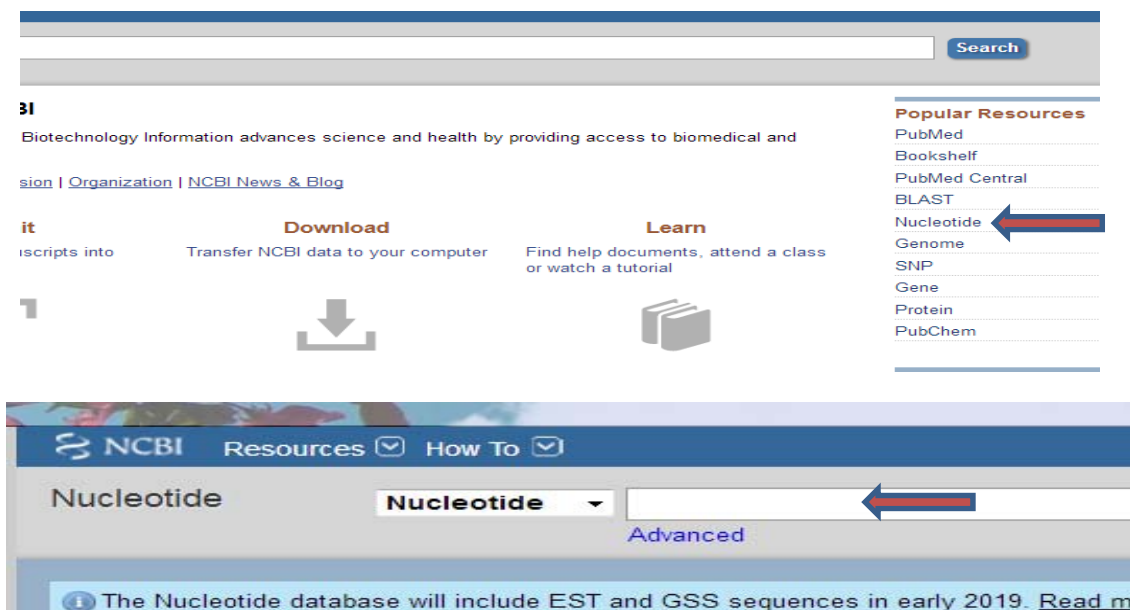
- 1.1.1. Porównaj kwas RNA i DNA.
- 1.1.2. U jakich organizmów funkcję materiału genetycznego pełni RNA?
- 1.1.3. Porównaj chromosom u Prokariota i Eukariota.
- 1.1.4. Porównaj geny Prokariota i Eukariota

1.2. Ćwiczenia

- 1.2.1. Na podstawie danych wykładowych proszę sporządzić tabelę przedstawiającą wszystkie możliwe formy kwasów nukleinowych, które pełnią funkcję materiału genetycznego.
- 1.2.2. Wiedząc, że odległość pomiędzy zasadami w DNA wynosi 3.4 Å oraz znając liczbę par zasad wchodzącą w skład genomów oblicz całkowitą długość DNA w komórce somatycznej wymienionych organizmów w metrach:
 - *Escherichia coli*: 4,6 Mbp
 - *Amoeba dubia*: 670 Gbp
 - *Triticum aestivum*: 17 Gbp
 - *Drosophila melanogaster*: 140 Mbp

1.2.3. Analiza sekwencji nukleotydowych zdeponowanych w NCBI

- Proszę wejść na stronę: „NCBI” : <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>



- Z kolumny po prawej stronie proszę wybrać „nucleotide”.
- W ramce, która się pojawi proszę wpisać numer akcesyjny: **AB193820.1** i zaakceptować poszukiwania.
- Otrzymany plik wyświetli się w formacie „GenBank” (patrz punkt 3.1).
- Proszę podać następujące informacje:
 - A: Z jakiego gatunku pochodzi sekwencja?
 - B: Jaki gen został podany?
 - C: Jaki kwas nukleinowy był wykorzystany do otrzymania tej sekwencji?
 - D: Czy sekwencja zdeponowana w NCBI zawiera introny? Uzasadnij odpowiedź.
 - E: Podaj długość zdeponowanej cząsteczki.
- Proszę zmienić widok na Graphics (patrz punkt 3.2). Korzystając z suwaka i powiększenia proszę podać:
 - F: Nukleotydy od 700 do 712
 - G: Aminokwasy odpowiadające tym nukleotydom, proszę użyć jednoliterowych symboli i rozszyfrować je.

Samodzielne prawidłowe wykonanie punktu 1.2.3: 3 punkty

1.3. Problemy

- 1.3.1. U jakiego organizmu stwierdzono największy genom? Jak sądzisz, co jest tego przyczyną?
- 1.3.2. Pentozy oraz nukleotydy są wykorzystywane jako suplementy diety między innymi dla osób intensywnie ćwiczących. Czy stosowanie suplementów diety jest korzystne u każdego? Jaki jest cel stosowania suplementów diety? Czy istnieją inne metody wspomaganie organizmu?

Ćwiczenie można przeprowadzić w grupach jako dyskusję.

1. Stosowanie komercyjnych suplementów diety.

vs.

2. Naturalne metody wspomaganie organizmu (należy zastanowić się co rozumiemy pod pojęciem „metody naturalne”, czy pojęcie jest tożsame z „metodami ekologicznymi”).

- 1.3.3. Pierwotnym nośnikiem informacji był RNA. Dlaczego RNA został zastąpiony przez DNA? Czy można wyobrazić sobie efektywny system informacyjny oparty o RNA?

2. Porównywanie sekwencji nukleotydowych w bazie NCBI

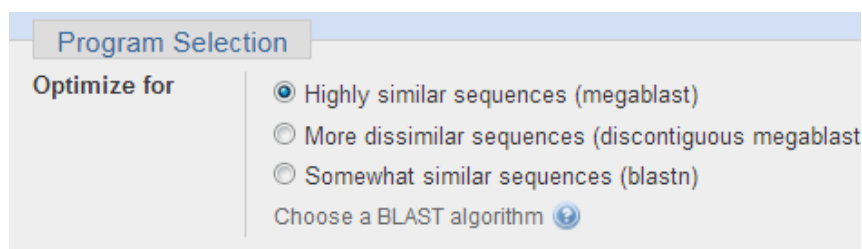
2.1. Pytania i zagadnienia

- 2.1.1. Czy u odległych genetycznie organizmów np. roślin i bakterii, człowieka i bakterii etc. występują podobne sekwencje?
- 2.1.2. U wielu gatunków np. kręgowców, traw obserwuje się zjawisko kolinearności, które polega na występowaniu tego samego układu genów na chromosomach poszczególnych gatunków. O czym świadczy zjawisko kolinearności?
- 2.1.3. Jak przebiega zakażenie *M. tuberculosis*?

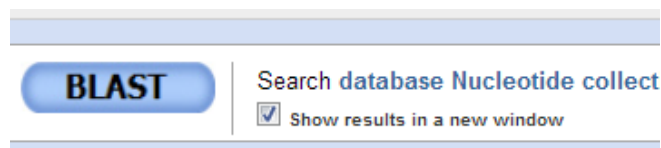
2.2. Ćwiczenia

2.2.1. Porównywanie sekwencji nukleotydowych.

- W bazie NCBI proszę przełączyć się na stronę zawierającą BLAST (<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>).
- Z podanych możliwości wybrać opcję Nucleotide BLAST. Po wejściu w tę opcję pojawi się okno „Enter accession number(s), gi(s), or FASTA sequence(s)”. Proszę w oknie podać numer analizowanej sekwencji w punkcie 1.2.3. (**AB193820.1**)
- Proszę przejść do dołu strony i w miejscu „program selection” proszę wybrać (pozostawić wybór domyślny) „highly similar sequences (megablast)”.



- Proszę wybrać opcję „show results in a new window”, a następnie zaakceptować przycisk niebieski BLAST. Obliczenia będą trwały kilka sekund, strona powinna się odświeżać samorzutnie.



- Po wykonaniu obliczeń otrzymacie Państwo zestaw sekwencji podobnych do sekwencji podanej. Ile sekwencji baza zwróciła?
- Korzystając z opcji „Distance Tree Viewer” proszę wymienić:
 - A:** trzy najbardziej podobne sekwencje do sekwencji badanej, proszę podać gatunek i symbol (duże litery), proszę pominąć sekwencje gatunku, z którego pochodziła sekwencja wprowadzana (**AB193820.1**)
 - B:** Ile z tych trzech sekwencji dotyczy peroksydazy
- Proszę przełączyć się do głównego widoku, przejść do pozycji alignment i podać dla każdej z trzech sekwencji:
 - C:** Jaki procent nukleotydów został uliniowany (query cover)?
 - D:** Liczbę i procent identycznych nukleotydów (identities) oraz
 - E:** Liczbę i procent przerw (gaps)?

Samodzielne prawidłowe wykonanie punktu 2.2.1: 2 punkty

2.3. Problemy

- 2.3.1. Czy zasoby genomowe dostępne w publicznych bazach danych mogą być przydatne w praktyce lekarskiej? Czy wykorzystanie baz danych może stanowić zagrożenie dla prywatności? Uzasadnij swoje stanowisko.

Ćwiczenie można przeprowadzić w grupach jako dyskusję.

1. Co przemawia za wprowadzeniem danych pacjentów do publicznie dostępnych baz danych z punktu widzenia leczenia i opieki nad chorymi?

Vs.

2. Zagrożenia związane z wprowadzaniem danych do publicznie dostępnych baz danych. Ewentualne procedury w celu ochrony prywatności.

- 2.2.2. Według WHO najwięcej przypadków gruźlicy obserwuje się w Afryce? Zaplanuj program zmniejszający liczbę zachorowań i umieralność na gruźlicę w Afryce.

Ćwiczenie można przeprowadzić w grupach, z których każda przedstawia swoją strategię.

3. Sekwencje zdeponowane w NCBI: przykłady

3.1. Widok GenBank (fragmen

GenBank

Homo sapiens chromosome 11, GRCh38.p12 Primary Assembly

NCBI Reference Sequence: **NC_000011.10**

FASTA Graphics

LOCUS NC_000011 2809 bp DNA linear CON 26-MAR-2018

DEFINITION Homo sapiens chromosome 11, GRCh38.p12 Primary Assembly.

ACCESSION NC_000011 REGION: complement(839721..842529)

VERSION NC_000011.10

DBLINK BioProject: PRJNA168
Assembly: GCF_000001405.38

KEYWORDS RefSeq.

SOURCE Homo sapiens (human)

ORGANISM Homo sapiens
Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Primates; Haplorrhini;
Catarrhini; Hominidae; Homo.

REFERENCE 1 (bases 1 to 2809)

AUTHORS Taylor,T.D., Noguchi,H., Totoki,Y., Toyoda,A., Kuroki,Y., Dewar,K.,
Lloyd,C., Itoh,T., Takeda,T., Kim,D.W., She,X., Barlow,K.F.,
Bloom,T., Bruford,E., Chang,J.L., Cuomo,C.A., Eichler,E.,
FitzGerald,M.G., Jaffe,D.B., LaButti,K., Nicol,R., Park,H.S.,
Seaman,C., Sougnez,C., Yang,X., Zimmer,A.R., Zody,M.C.,
Birren,B.W., Nusbaum,C., Fujiyama,A., Hattori,M., Rogers,J.,
Lander,E.S. and Sakaki,Y.

TITLE Human chromosome 11 DNA sequence and analysis including novel gene
identification

JOURNAL Nature 440 (7083), 497-500 (2006)

PUBMED 16554811

REFERENCE 2 (bases 1 to 2809)

CONSRIM International Human Genome Sequencing Consortium

TITLE Finishing the euchromatic sequence of the human genome

JOURNAL Nature 431 (7011), 931-945 (2004)

PUBMED 15496913

REFERENCE 3 (bases 1 to 2809)

AUTHORS Lander,E.S., Linton,L.M., Birren,B., Nusbaum,C., Zody,M.C.,
Baldwin,J., Devon,K., Dewar,K., Doyle,M., FitzHugh,W., Funke,R.,
Gage,D., Harris,K., Heaford,A., Howland,J., Kann,L., Lehoczkv,J.,

3.2. Widok Gragpics z zaznaczonymi suwakami do przeglądania sekwencji

osome 11, GRCh38.p12 Primary Assembly

0011.10

